

## Avis de Soutenance

Monsieur Teddy URVOIS

Sciences de la Vie et de la Santé

Soutiendra publiquement ses travaux de thèse intitulés

*Structure génétique et modélisation de la distribution des populations de deux espèces invasives de Xylosandrus (Scolytinae: Xyleborini) : deux espèces proches aux histoires d'invasion différentes*

dirigés par Madame Marie-Anne AUGER-ROZENBERG et Madame Carole KERDELHUE

Ecole doctorale : Santé, Sciences Biologiques et Chimie du Vivant - SSBCV  
Unité de recherche : INRAE URZF - Unité de Recherche de Zoologie Forestière

Soutenance prévue le **jeudi 24 février 2022** à 10h00

Lieu : INRAE Val de Loire 2163 Avenue de la pomme de pin 45075 Ardon

Salle : Dominique King

### Composition du jury proposé

Mme Sandra LUQUE	Maison de la Télédétection, Montpellier	Rapporteuse
M. Eric PETIT	INRAE	Rapporteur
Mme Manuela BRANCO	Universidade de Lisboa	Examinatrice
M. Massimo FACCOLI	Università degli studi di Padova	Examinateur
Mme Stéphanie BANKHEAD	Université d'Orléans	Examinatrice
Mme Carole KERDELHUÉ	INRAE Montferrier-sur-Lez	Directrice de thèse
Mme Marie-Anne AUGER-ROZENBERG	INRAE Val de Loire	Directrice de thèse

**Mots-clés :** Xylosandrus, Biologie des invasions, Phylogéographie, Modélisation de distribution d'espèces, Changement climatique,

### Résumé :

Xylosandrus compactus et X. crassiusculus sont deux scolytes originaires d'Asie du Sud-Est et invasifs sur plusieurs continents, dont la biologie et l'écologie atypiques favorisent l'invasion. Une approche pluridisciplinaire a été utilisée au cours de cette thèse afin (i) d'identifier l'origine des populations invasives et leurs routes d'invasion, et (ii) de déterminer les zones dans lesquelles elles pourraient s'étendre et s'établir. Les routes d'invasion ont été retracées à l'aide d'un marqueur mitochondrial et de marqueurs génomiques, et les zones favorables à l'établissement de chaque espèce ont été déterminées à l'aide de modèles de distribution d'espèces (SDM). Malgré leur proximité écologique et phylogénétique, les deux espèces ont une histoire d'invasion différente. Deux lignées ont été identifiées chez X. compactus, l'une originaire d'Inde ou du Vietnam ayant envahi l'Afrique et l'autre originaire de la région de Shanghai et ayant envahi indépendamment les Amériques et les îles du Pacifique, puis l'Europe. X. crassiusculus est composé de deux clusters très divergents, majoritairement allopatriques et possédant des niches écologiques différentes. Le cluster 1 a envahi indépendamment les îles du Pacifique et l'Afrique. Le cluster 2 est responsable de l'invasion en Amérique, en Europe, en Afrique et en Océanie, avec plusieurs invasions indépendantes de multiples origines (dont des événements dits "tête de pont") suivies de dispersion intra-continentale. Les SDM ont montré pour les deux espèces l'existence de zones favorables où elles ne sont pas encore présentes et qui sont donc susceptibles d'être envahies secondairement. Nous anticipons également un impact du changement climatique sur leurs potentielles distributions futures. A l'inverse, l'évolution récente du climat n'est pas responsable de l'invasion récente de l'Europe, ce continent étant favorable depuis plusieurs décennies.